

ANÁLISE *IN SILICO* DE PROTEÍNAS DE VESÍCULAS EXTRACELULARES DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* POR VACINOLOGIA REVERSA E GENÔMICA SUBTRATIVA

SILVA, G. K. V.¹; SOUSA, E. G.¹; GOMES, C. R.¹; AZEVEDO, V. A. de C.^{1*}

¹Laboratório de Genética Celular e Molecular, Departamento de Genética, Ecologia e Evolução – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil

*E-mail: giovannav762@gmail.com, vascoariston@gmail.com

O *Staphylococcus aureus* é um importante patógeno frequentemente associado a infecções hospitalares e comunitárias, além de quadros supurativos de rápida evolução, tais como impetigo, endocardite e pneumonia. Seu repertório de fatores de virulência favorecem o processo de invasão, destruição tecidual, evasão do sistema imunológico e estabelecimento da infecção. As vesículas extracelulares são nanopartículas que carregam compostos bioativos associados a mecanismos de virulência e sobrevivência de microrganismos. Estudos realizados destacam a capacidade de adaptação desta bactéria e aquisição de resistência à maioria dos antimicrobianos existentes, o que dificulta o tratamento e reforça a necessidade de intervenções mais eficazes. Diante desse cenário, torna-se essencial investigar o conteúdo das vesículas e sua possível aplicação no desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas. Logo, utilizando ferramentas de bioinformática, bem como a genômica subtrativa e vacinologia reversa, este estudo explora os genomas completos e o proteoma das vesículas extracelulares de *S. aureus*, com foco na seleção de potenciais alvos vacinais e farmacológicos. Os genomas de 1583 cepas de *Staphylococcus aureus* foram recuperados do banco de dados NCBI e submetidos a análise *in silico*. A vacinologia reversa permitiu identificar 9 alvos com capacidade de adesão ao MHC e potencial imunogênico. Para as proteínas citoplasmáticas, após a análise de essencialidade e homologia com proteínas humanas e da microbiota, foram preditos 12 alvos que, posteriormente, será realizada a avaliação de seus modelos estruturais, funções biológicas e docking molecular. Paralelamente, as proteínas das vesículas extracelulares foram avaliadas quanto ao seu potencial antigênico, sendo aplicados critérios de filtragem baseados em localização subcelular, não similaridade a proteínas humanas e antigenicidade. Os resultados obtidos reforçam a importância das análises para seleção de possíveis candidatos vacinais e alvos terapêuticos. A continuidade da pesquisa permitirá a caracterização funcional e estrutural desses candidatos, contribuindo para o avanço no desenvolvimento de vacinas eficazes contra *Staphylococcus aureus*.

Palavras-chave: *Staphylococcus aureus*; Vesículas extracelulares; Vacinologia Reversa; Bioinformática;.